

Figure 1

```

1
-----
60
SEQ ID NO:2 -----
SEQ ID NO:4 RPFHFINQTEPLVHTHTQQPPSPAPGPASQ--GQRQGNLTLSPTPTLAVILVNPQRAPPVLP
SEQ ID NO:6 -----
SEQ ID NO:8 -----ARATAKALRQPCYAGIFRNIC--GPSAPAESLGFPKLRG-----INV
SEQ ID NO:10 -----TRADAGERMA-----G
SEQ ID NO:12 T-----
SEQ ID NO:13 -----MIGSVKRPVVS CVLPEFDFTSTGLGKSSSVKLPVNF-----AFG
SEQ ID NO:14 -----MIAAGAKSL-----GLSMASPK-----G-----IFD

31
-----
120
SEQ ID NO:2 SAA-----AAVAGISSSSA-----
SEQ ID NO:4 GLTPSDAPLPALVIHGLTPRSSHSSAGLASDSGRREGEGRGARTHCHRGIGRWVRRRRRN
SEQ ID NO:6 -----
SEQ ID NO:8 TGLHCGRRGLVVLVRAKSKPIRAKEN--ASVSASLID--DWFKPITAKED-----S
SEQ ID NO:10 SEA-----VPVVAVAAGKQP-----VNG-----
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:13 SGG--GEVKLGFLAPIKATEGSKTSS--FQVNGKVDNFRHLQPSDCNSN-----S
SEQ ID NO:14 SNSMSNSRSVVVVRACVSMDSQSTLS--HNKNGSIEPVKSI-----

121
-----
180
SEQ ID NO:2 -----LVTSTVGKSTNIIWHCEAIGQKERQGLLNQKGCVVWITGLSGSGK
SEQ ID NO:4 GAAPGEAPHSPVKEKFPVMSNIGKSTNIIWHNCLIGQSDRQKLLGQKGCVVWITGLSGSGK
SEQ ID NO:6 -----SIVPKASNI FWHDCAVQADROKLLQKQGCVVWITGLSGSGK
SEQ ID NO:8 NAE--DRTSSFSGKNLTQMSNVGNSTNIMWHDCAPIQKQDRQQLLOQGCVIWITGLSGSGK
SEQ ID NO:10 -----SAMAGIDKLVSTVGKSTNIVLWHDCAPIQGFERQELLNQKQGCVVWITGLSGSGK
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:13 DSSLNNGCNFGPKKILQTTTVGNSTNIIWHKCAVEKSERQEPLOQRGCVIWITGLSGSGK
SEQ ID NO:14 -----NGHTGKQKQPLSTVGNSTNIIWHCEKSVKVDQRLLDQKGCVIWITGLSGSGK

181
-----
240
SEQ ID NO:2 STLACALSRELHGRGHLYVLDGDNLRHGLNRDLSFGAEDRAENIRRVGEVAKLFADAGL
SEQ ID NO:4 STLACALSRELHCRGHLYVLDGDNLRHGLNRDLSFKAEDRAENIRRVGEVAKLFADAGV
SEQ ID NO:6 STLACTLDRELHTRGKLSYVLDGDNLRHGLNKDLGFKAEADRAENIRKVGAEVAKLFADAGL
SEQ ID NO:8 STLACALSQSLHSGKGLSYVLDGDNLRHGLNQDLSFRAEDRAENIRRIGEVAKLFADAGV
SEQ ID NO:10 STLACALSRELHSGHLYVLDGDNLRHGLNRDLCFEAKDRAENIRRVGEVAKLFADAGL
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:13 STLACALSRLHAKGKLYVLDGDNVRHGLNSDLSFKAEDRAENIRRIGEVAKLFADAGV
SEQ ID NO:14 STLACALNQMLYQKGLCYVLDGDNVRHGLNRDLSFKAEDRAENIRRVGEVAKLFADAGI

241
-----
300
SEQ ID NO:2 VCIASLISPYRSDRSACRDLLPKHSFIEVFLDVPLQVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
SEQ ID NO:4 ICIASLISPYRRDRDACRALLPHSNFIEVFIDLPLKICEARDPKGLYKLARTGKIKGFTG
SEQ ID NO:6 VCIASFSKSPYKR-----
SEQ ID NO:8 ICTISLISPYQKDRDACRALLSKGDFIEVFIDVPLHVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
SEQ ID NO:10 ICIASLISPYRSERSACRKLHNSTFIEVFLNVPLEVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
SEQ ID NO:12 -----RLARTGKIKGFTG
SEQ ID NO:13 ICIASLISPYRKPPDACRSLLEPGDFIEVFMDVPLKVCCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
SEQ ID NO:14 ICIASLISPYRTDRDACRSLLEPGDFIEVFMDVPLSVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG

```

Figure 1 (cont'd.)

	301	344
SEQ ID NO:2	IDDPYEPPSDCEIVIQCKVGDSPSPESMAGHVVSYLETNGFLQD	
SEQ ID NO:4	IDDPYEPPINGEIVIKMKDEECPSPKAMAKQVLCYLEENGYLQA	
SEQ ID NO:6	-----ES	
SEQ ID NO:8	IDDPYEPPSCSEIVLQCKGSDCKSPSDMAEEVISYLEENGYLRA	
SEQ ID NO:10	IDDPYEAPSDCEIVIQCKAGDCATPKSMADQVVSYLEANEFLQE	
SEQ ID NO:12	VDDPYESPVNSEIVIKMEGGECPSPKAMAQVLSYLEKNGYLQA	
SEQ ID NO:13	IDDPYEPLKSEIVLHQKLGMCDSPCDLADIVISYLEENGYLKA	
SEQ ID NO:14	IDDPYEPLNCEISLREGG--TSPIEMAEKVVGYLDNKGYLQA	